



3/9/1

DIALOG(R) File 351:Derwent WPI
(c) 2001 Derwent Info Ltd. All rts. reserv.

013629234

WPI Acc No: 2001-113442 /200113

XRAM Acc No: C01-033888

New adeno-associated virus structural protein comprising at least one mutation that reduces the virulence is useful as a viral vector in gene therapy, e.g. for treating tumors

Patent Assignee: MEDIGENE AG (MEDI-N)

Inventor: GIROD A; HALLEK M; RIED M

Number of Countries: 022 Number of Patents: 003

Patent Family:

Patent No	Kind	Date	Applicat No	Kind	Date	Week
DE 19933288	A1	20010118	DE 1033288	A	19990715	200113 B
WO 200105990	A1	20010125	WO 2000EP6692	A	20000713	200113
AU 200066931	A	20010205	AU 200066931	A	20000713	200128

Priority Applications (No Type Date): DE 1033288 A 19990715

Patent Details:

Patent No	Kind	Lan	Pg	Main IPC	Filing Notes
-----------	------	-----	----	----------	--------------

DE 19933288	A1	12	C07K-014/015		
-------------	----	----	--------------	--	--

WO 200105990	A1	G	C12N-015/864		
--------------	----	---	--------------	--	--

Designated States (National): AU CA JP US

Designated States (Regional): AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LU
MC NL PT SE

AU 200066931 A C12N-015/864 Based on patent WO 200105990

Abstract (Basic): DE 19933288 A1

NOVELTY - An adeno-associated virus (AAV) structural protein (I) which comprises at least one mutation that reduces the virulence of the virus.

DETAILED DESCRIPTION - INDEPENDENT CLAIMS are also included for:

(1) A nucleic acid (II) that encodes (I);

(2) A host cell (III) comprising (II);

(3) Producing (I) by comprises:

(i) culturing (III); and

(ii) isolating (I); and

(4) A pharmaceutical composition consisting of (I) and a suitable pharmaceutical carrier.

ACTIVITY - Cytostatic.

MECHANISM OF ACTION - Gene Therapy.

USE - (I), nucleic acids encoding (I), and/or cells transfected with the nucleic acid encoding (I) that reduce the virulence of AAV are useful in transforming cells and/or in gene therapy (claimed), in particular to treat tumors.

ADVANTAGE - The mutated AAV provides an efficient vector with reduced pathogenicity and no significant change in its infectivity.

pp; 12 DwgNo 0/0

Technology Focus:

TECHNOLOGY FOCUS - BIOTECHNOLOGY - Preferred Protein: The mutation does not significantly effect the infectivity of the virus. (I) is necessary for the formation of the viral particle. (I) is preferably mutated VP1, VP2, or VP3 protein. (I) is derived from AAV2, AAV3, AAV4, AAV5, and/or AAV6, and especially AAV2. The mutation is located at the N-terminus of (I) and at the surface of the virus. The mutation may be a point mutation, mutations of more than one amino acid, one or more deletions, one or more insertions, or a combination of any of the above. A protein or peptide, that is preferably immunosuppressive, is inserted. The protein may comprise a further mutation where it losses its infectivity. This mutation may be one or more deletions, one or more insertions or a combination of the two. A cell membrane receptor ligand, a Rep-protein or -peptide, an immunosuppressive protein or peptide and/or a protein or peptide with a signal to the synthesis of the double stranded DNA of the foreign gene are inserted. The insertion is preferably an integrin, a cytokine or a receptor binding domain of a cytokine, an integrin or growth factor, a antibody specific for a cell

surface receptor or surface structures, a Stuart that binds the antibody or an epitope. The mutation where one or more insertions at Xho-I or BsrBI or deletions between BsrBI and HindII or between XhoI-XhoI restriction sites of VP1 coding sequences. One or more insertions are made into VP before and after at least one amino acid described in the specific substances section. (I) is in the form of a AAV particle, preferably in the form of an AAV-capsid.

Preferred Composition: The composition preferably comprises at least two proteins of the invention.

Title Terms: NEW; ADENO; ASSOCIATE; VIRUS; STRUCTURE; PROTEIN; COMPRISE; ONE; MUTANT; REDUCE; VIRULENT; USEFUL; VIRUS; VECTOR; GENE; THERAPEUTIC; TREAT

Derwent Class: B04; D16

International Patent Class (Main): C07K-014/015; C12N-015/864

International Patent Class (Additional): A61K-031/711; A61K-039/23;

A61K-048/00; C12N-005/10; C12N-007/01; C12N-015/35; C12N-015/62

File Segment: CPI

Manual Codes (CPI/A-N): B04-C01G; B04-E02F; B04-F0100E; B04-N02A; B14-H01; B14-H01B; B14-S03; D05-C11; D05-H12B2; D05-H12F; D05-H14A1; D05-H17B6

Chemical Fragment Codes (M1):

- *01* M710 M720 M905 N104 N136 N161 P631 P633 Q233 RA013I-T RA013I-N RA013I-P
- *02* M710 M720 M905 N104 N136 N161 P631 P633 Q233 RA00H1-T RA00H1-N RA00H1-P
- *03* M710 M720 M905 N104 N136 N161 P631 P633 Q233 RA00GT-T RA00GT-N RA00GT-P
- *04* G013 G100 H1 H101 H182 H4 H404 H441 H483 H8 J0 J014 J1 J171 J3 J373 M280 M311 M312 M313 M315 M321 M322 M323 M331 M332 M333 M340 M342 M343 M349 M371 M381 M391 M393 M423 M510 M520 M531 M540 M710 M720 M904 M905 N104 N136 N161 P631 P633 Q233 RA19F7-T RA19F7-N RA19F7-P
- *05* G013 G100 H1 H100 H181 H4 H403 H441 H482 H8 J0 J014 J1 J171 J3 J373 M280 M311 M312 M313 M315 M321 M322 M323 M331 M332 M333 M340 M342 M343 M349 M371 M381 M391 M393 M423 M510 M520 M531 M540 M710 M720 M904 M905 N104 N136 N161 P631 P633 Q233 RA39XQ-T RA39XQ-N RA39XQ-P
- *06* F011 F012 F423 G013 G019 G100 H1 H100 H181 H2 H211 H4 H405 H442 H484 H8 J0 J014 J1 J171 J3 J311 J373 K0 L2 L250 M280 M312 M313 M314 M315 M321 M322 M323 M331 M332 M333 M340 M342 M343 M349 M371 M381 M392 M393 M423 M510 M521 M532 M540 M710 M720 M904 M905 N104 N136 N161 P631 P633 Q233 RA19FA-T RA19FA-N RA19FA-P
- *07* F011 F012 F423 G010 G019 G100 H1 H101 H182 H2 H211 H4 H401 H481 H8 J0 J014 J1 J173 J3 J311 J373 M280 M311 M312 M313 M314 M315 M321 M323 M332 M333 M340 M342 M343 M349 M371 M381 M392 M393 M423 M510 M521 M532 M540 M710 M720 M904 M905 N104 N136 N161 P631 P633 Q233 RA19FB-T RA19FB-N RA19FB-P
- *08* F011 F012 F423 G013 G100 H1 H100 H181 H2 H211 H4 H403 H441 H482 H8 J0 J014 J1 J172 J3 J311 J373 M280 M311 M312 M313 M314 M321 M323 M331 M332 M333 M340 M342 M343 M349 M371 M381 M391 M393 M423 M510 M521 M531 M540 M710 M720 M904 M905 N104 N136 N161 P631 P633 Q233 RA19FD-T RA19FD-N RA19FD-P
- *09* H1 H100 H181 H4 H401 H481 H8 J0 J014 J1 J171 J3 J373 K0 L2 L250 L299 M280 M311 M312 M313 M314 M315 M321 M322 M323 M331 M332 M333 M340 M342 M343 M349 M381 M393 M423 M620 M710 M720 M904 M905 N104 N136 N161 P631 P633 Q233 RA19FH-T RA19FH-N RA19FH-P

Specific Compound Numbers: RA013I-T; RA013I-N; RA013I-P; RA00H1-T; RA00H1-N; RA00H1-P; RA00GT-T; RA00GT-N; RA00GT-P; RA19F7-T; RA19F7-N; RA19F7-P; RA39XQ-T; RA39XQ-N; RA39XQ-P; RA19FA-T; RA19FA-N; RA19FA-P; RA19FB-T; RA19FB-N; RA19FB-P; RA19FD-T; RA19FD-N; RA19FD-P; RA19FH-T; RA19FH-N; RA19FH-P

Key Word Indexing Terms:

- *01* 184610-0-0-0-CL, NEW, PRD 184611-0-0-0-CL, NEW, PRD
200757-0-0-0-CL, NEW, PRD 260331-1-0-0-CL, NEW, PRD
358666-1-0-0-CL, NEW, PRD 260334-1-0-0-CL, NEW, PRD
260335-1-0-0-CL, NEW, PRD 260337-1-0-0-CL, NEW, PRD
260341-1-0-0-CL, NEW, PRD



①9 BUNDESREPUBLIK
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES
PATENT- UND
MARKENAMT

⑫ **Offenlegungsschrift**
⑩ **DE 199 33 288 A 1**

⑤1 Int. Cl.⁷:
C 07 K 14/015
A 61 K 31/711
C 12 N 5/10
C 12 N 7/01
C 12 N 15/35

②1 Aktenzeichen: 199 33 288.6
②2 Anmeldetag: 15. 7. 1999
④3 Offenlegungstag: 18. 1. 2001

DE 199 33 288 A 1

⑦1 Anmelder:
MediGene AG, 82152 Planegg, DE

⑦4 Vertreter:
Patent- und Rechtsanwälte Bardehle, Pagenberg,
Dost, Altenburg, Geissler, Isenbruck, 81679
München

⑦2 Erfinder:
Hallek, Michael, Prof. Dr., 86938 Schondorf, DE;
Girod, Anne, Dr., 81475 München, DE; Ried, Martin,
86697 Oberhausen, DE

⑤6 Entgegenhaltungen:
WO 95 23 867

Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen

Prüfungsantrag gem. § 44 PatG ist gestellt

⑤4 Strukturprotein von Adeno-assoziiertem Virus mit veränderter Antigenität, seine Herstellung und Verwendung

⑤1 Die vorliegende Erfindung betrifft ein Strukturprotein von Adeno-assoziiertem Virus (AAV), das mindestens eine Mutation enthält, die eine Verringerung der Antigenität bewirkt, seine Herstellung und Verwendung.

DE 199 33 288 A 1

Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Strukturprotein von Adeno-assoziiertem Virus (AAV), das mindestens eine Mutation enthält, die eine Verringerung der Antigenität bewirkt, seine Herstellung und Verwendung.

- 5 Das AAV-Virus gehört zur Familie der Parvoviren. Diese zeichnen sich durch ein ikosaedrisches, unbehülltes Kapsid mit einem Durchmesser von 18 bis 30 nm aus, welches eine lineare, einzelsträngige DNA von ca. 5 kb enthält. Für eine effiziente Vermehrung von AAV ist eine Coinfektion der Wirtszelle mit Helferviren, beispielsweise mit Adenoviren, Herpesviren oder Vacciniaviren erforderlich. In Abwesenheit eines Helfervirus geht AAV in einen Latenzzustand über, wobei das Virusgenom in der Lage ist, stabil in das Wirtszellgenom zu integrieren. Die Eigenschaft von AAV, in das Wirtszellgenom zu integrieren, macht es als Transduktionsvektor für Säugetierzellen besonders interessant. Für die Vektorfunktionen genügen im allgemeinen die beiden ca. 145 bp langen invertierten terminalen Wiederholungssequenzen (ITR: "Inverted Terminal Repeats"). Sie tragen die "cis" notwendigen Signale für Replikation, Verpackung und Integration in das Wirtszellgenom. Zur Verpackung in rekombinante Vektorpartikel wird ein Helferplasmid, welches die Gene für nicht-strukturelle Proteine (Rep-Proteine) und für strukturelle Proteine (Cap-Proteine) trägt, in verpackungsg geeignete Zellen, z. B. HeLa- oder 293-Zellen, transfiziert, die hierauf beispielsweise mit Adenovirus infiziert werden. Nach einigen Tagen erhält man ein Lysat, welches rekombinante AAV-Partikel enthält. Geeignete Helferplasmide sind z. B. bei Chiorini et al., (1995) Hum. Gene Ther. 6, 1531-1541 oder Girod et al. (1999), Nat. Med. beschrieben.

- Das AAV-Kapsid besteht aus drei verschiedenen Proteinen: VP1, VP2 und VP3, deren relative Anteile 5% VP1, 5% VP2 und 90% VP3 sind. Die AAV-Kapsidgene sind am rechten Ende des AAV-Genoms lokalisiert und werden durch überlappende Sequenzen desselben offenen Leserahmens (ORF) unter Verwendung verschiedener Startkodons kodiert. Das VP1-Gen enthält die ganze VP2-Gensequenz, welche wiederum die ganze VP3-Gensequenz mit einem spezifischen N-terminalen Bereich enthält. Die Tatsache, daß die überlappenden Leserahmen für alle drei AAV-Kapsid-Proteine kodieren, ist für die obligatorische Expression aller Kapsid-Proteine, wenn auch zu unterschiedlichen Anteilen, verantwortlich.

- 25 Die Molekularmassen der Kapsid-Proteine sind 87 kD für VP1, 73 kD für VP2 und 62 kD für VP3. Die Sequenzen der Kapsidgene sind in Srivastava, A. et al. (1983), J. Virol., 45, 555-564; Muzyczka, N. (1992), Curr. Top. Micro. Immunol., 158, 97-129; Ruffing, N. et al. (1992), J. Virol., 66, 6922-6930 oder Rutledge, E. A. et al. (1998) J. Virol. 72, 309-319 beispielsweise beschrieben. Die physikalische und genetische Karte des AAV-Genoms ist beispielsweise bei Kotin, R. M. (1994), Human Gene Therapy, 5, 793-801 beschrieben.

- 30 Zudem sind verschiedene AAV-Serotypen bekannt, von denen der menschliche AAV-Serotyp 2 (AAV2) ein Virusvektor mit vorteilhaften Eigenschaften für die somatische Gentherapie darstellt. Die wesentlichen Vorteile sind die fehlende Pathogenität für den Menschen, die stabile Integration viraler DNA in das zelluläre Genom, die Fähigkeit, nicht teilende Zellen zu infizieren, die Stabilität des Virions, was die Aufreinigung zu hohen Titern (10^{11} Partikel pro ml) ermöglicht, die relativ geringe Immunogenität sowie das weitgehende Fehlen viraler Gene und Genprodukte im rekombinanten AAV-Vektor, was unter Sicherheitsaspekten für die Verwendung in der Gentherapie vorteilhaft ist. Die Klonierung von Genen in den AAV-Vektor erfolgt mittlerweile nach den dem Fachmann allgemein bekannten Methoden, wie sie z. B. in WO 95/23 867, bei Chiorini, J. A. et al. (1995), Human Gene Therapy, 6, 1531-1541 oder bei Kotin, R. M. (1994), supra, beschrieben sind.

- Der Einsatz gerade viraler Vektoren in der Gentherapie ist im hohen Maße von der Antigenität des verwendeten Systems abhängig, da mit einer hohen Antigenität auch eine verstärkte Immunantwort einhergeht, die mit dem Therapieerfolg interferieren könnte. Daher ist auch die Antigenität des AAV-Virus von entscheidender Bedeutung für dessen Verwendbarkeit in der Therapie. Unter dem Begriff Antigen versteht man Stoffe, die nach Einführung in den Organismus von Menschen und Tieren eine spezifische Immunantwort auslösen. Diese äußert sich entweder in der Bildung von Antikörpern (humorale Immunantwort) und der Entwicklung einer zellvermittelten Immunität (zelluläre Immunantwort) oder einer spezifischen immunologischen Toleranz. Voraussetzung einer Immunantwort (für die Immunogenität des Antigens) ist im allgemeinen, daß das Antigen vom Organismus als fremd erkannt wird, daß es ein MW > 1 kDa besitzt und der Stoffklasse der Proteine oder Polysaccharide, seltener Desoxyribonucleinsäuren oder Lipide angehört. Komplexere Strukturen wie z. B. Bakterien, Viren oder Erythrocyten (partikuläre Antigene) sind im allgemeinen noch wirksamere Antigene, besitzen also hohe Antigenität. Unter Antigenität versteht man daher im Sinne dieser Erfindung die Fähigkeit mit dem Immunsystem (humorales und zelluläres) durch Bindung zu interagieren (erkannt zu werden). Der Begriff umfaßt dabei auch die Immunogenität, also auch die Fähigkeit zur Auslösung einer Immunantwort. Gerade bei Viren können dabei prinzipiell antigene Strukturen für die Antikörperbindung nicht nur durch die Primärstruktur, sondern auch durch die Sekundär-, Tertiär- oder Quartärstruktur der Kapsid-Proteine bzw. Kapside bestimmt sein.

- Chapman M. S. und Rossmann M. G. (1993), Virology, 194, 491-508 konnten durch Sequenzvergleiche mit verschiedenen Parvoviren, aus dem die antigenen Unterschiede zwischen den Kapsidproteinen vorhergesagt wurden, die wichtigsten Antigen-Determinanten des CPV-Kapsids identifizieren. Nach dieser Untersuchung ist die Antigenität des CPV-Kapsid-Proteins primär an extern exponierte Loops mit hoher Sequenz-Variabilität gebunden. Beim AAV-Virus-Kapsid hingegen gibt es derartige Untersuchungen noch nicht. Lediglich die WO 96/00587 beschreibt AAV-Kapsid-Fusionsproteine, bei denen beispielsweise in die für ein Kapsid-Protein codierende DNA die für ein klinisch relevantes Antigen codierende DNA eingefügt wird, ohne daß dies mit der Kapsidbildung interferiert, und das Konstrukt als AAV-Kapsid-Fusionsprotein exprimiert wird. Die klinisch relevanten Antigene sind Epitope, die beispielsweise aus Bakterien (z. B. Salmonella), Viren (z. B. env-HIV) oder Tumorzellen stammen. Die entstehenden AAV-Kapsid-Fusionsproteine sollen eine Immunantwort auslösen, also für eine gesteigerte Antigenität der AAV-Viren sorgen.

- Eine verringerte Antigenität des AAV wird im Stand der Technik nicht diskutiert. Für die praktische Anwendung von AAV-Vektoren – gerade in der Gentherapie – ist aber eine verringerte Antigenität im Vergleich zum Wildtyp oder zu vom Wildtyp abgeleiteten AAV-Vektoren von Vorteil. Denn auch Wildtyp-AAV hat durchaus Antigen-Determinanten. So gibt es anti-AAV2 Ig positive Individuen, bei denen eine Therapie mit AAV-Vektoren einer Wildtyp-Antigenität zwangsläufig schwierig bis unmöglich ist. Ebenso könnte ein Patient bei wiederholter Therapie mit AAV-Vektoren zunehmend eine

humorale und/oder zelluläre Immunantwort gegen die verwendeten AAV-Vektoren entwickeln. Eine derartige Immunisierung würde den Erfolg einer Therapie schmälern bzw. verhindern. Je geringer also die Antigenität eines rekombinanten AAV-Virus ist oder je mehr sich seine Antigenität von einem Wildtyp-Virus oder einem zuvor verwendeten rekombinanten AAV-Virus unterscheidet, desto erfolversprechender erscheint dessen therapeutischer Einsatz.

Aufgabe der vorliegenden Erfindung war es daher, die Antigenität des AAV-Virus insbesondere eines Strukturproteins gegenüber dem Wildtyp zu verringern. Insbesondere sollten durch Modifikation AAV-Vektoren entwickelt werden, die einen spezifischen und effizienten Gentransfer ermöglichen, aber der Immunantwort besser oder vollständig entgehen. Daher sollte die Modifikation bevorzugt so erfolgen, daß sich gleichzeitig die Infektiosität des Virus nicht wesentlich verringert oder zumindest erhalten bleibt.

Überraschenderweise wurde nun gefunden, daß Struktur- bzw. Kapsid-Proteine von AAV so modifiziert werden können, daß dadurch eine Verringerung der Antigenität bewirkt wird, wobei sich auch die Infektiosität nicht wesentlich verringert, diese zumindest erhalten bleibt.

Ein Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist daher ein Strukturprotein von AAV, das mindestens eine Mutation enthält, die eine Verringerung der Antigenität bewirkt.

Unter der Verringerung der Antigenität versteht man im Sinne der Erfindung und obiger Definitionen die Verringerung der Antikörperbildung und/oder Antikörperbindung durch Veränderung, Entfernen oder Hinzufügen bestimmter Sequenzen oder Epitope oder einer Kombination dieser Maßnahmen, insbesondere bestimmter im Wildtyp vorhandener Epitope und Sequenzen. Durch eine verminderte Antigenität wird beispielsweise eine Immunisierung eines Organismus durch eine Therapie mit einem AAV-Vektor verringert. Dabei ist auch eine absolut gesehen, d. h. im Durchschnitt der Stärke der Immunantwort, lediglich veränderte Antigenität im Sinne dieser Erfindung als verringert anzusehen, wenn mit dem erfindungsgemäßen Strukturprotein eine Antikörper-(Immun-)Antwort nicht ausgelöst wird, die mit dem Wildtyp ausgelöst worden wäre. Eine derartige, absolut gesehen lediglich veränderte Antigenität kann zu einer verringerten Immunisierung führen, wenn bei aufeinanderfolgenden Therapien erfindungsgemäße AAV-Vektoren mit unterschiedlicher Antigenität eingesetzt werden. Die veränderte Antigenität kann sich dabei sowohl auf die humorale wie auch die zelluläre Immunantwort beziehen.

Die verringerte Antigenität läßt sich für die humorale Immunantwort beispielsweise dadurch nachweisen, daß ein Antikörper, der an das unmodifizierte (Wildtyp-) AAV-Kapsid-Protein oder AAV-Kapsid binden kann, das erfindungsgemäße, modifizierte AAV-Kapsid-Protein oder AAV-Kapsid nicht mehr oder wesentlich schlechter erkennt. Derartige Nachweise können durch Standardverfahren wie ein Enzyme linked Immuno-absorbent Assay (ELISA) durchgeführt werden. Ein geeigneter Antikörper ist beispielsweise der A20 monoklonale Antikörper (siehe Wistuba, A. et al. (1997) J. Virol., 71, 1341-52), der spezifisch nur vollständig assemblierte AAV2-Kapside des Wildtyps erkennt, jedoch keine freien Kapsidproteine.

Für die zelluläre Immunantwort kann ein Nachweis der veränderten Antigenität darüber geführt werden, daß AAV-spezifische Immunzellen durch Antigen-präsentierende Zellen, die mit Partikeln aus mutierten Strukturproteinen infiziert wurden, nicht so stark stimuliert werden wie durch Antigen-präsentierende Zellen, die mit Partikeln aus ursprünglichen Strukturproteinen infiziert wurden. Dieses Verfahren ist in Analogie zu den Verfahren für Vakzinia- und Adenoviren (Tarpey, I. et al., (1994), Immunology, 81, 222-7; Nimako, M. et al., (1997), Cancer Res. 57, 4855-61). Die Stimulation der Immunzellen läßt sich beispielsweise durch einen Cytokinassay (Chapter 6.2 bis 6.24 in Current Protocols in Immunology (1999), edited by Coligan J. E. et al., John Wiley & Sons) quantitativ messen.

Es ist besonders bevorzugt, daß die Mutation im erfindungsgemäßen Strukturprotein keine wesentliche Verringerung der Infektiosität des Virus bewirkt, bzw. die Infektiosität zumindest erhalten bleibt. Unter Infektiosität versteht man im Sinne dieser Erfindung die Fähigkeit, Zellen zu transfizieren oder zu transduzieren.

Des weiteren ist das erfindungsgemäße Strukturprotein vorzugsweise weiterhin zur Partikelbildung, d. h. zur Ausbildung eines ikosaedrischen Kapsids, befähigt, insbesondere in Form eines AAV-Kapsids, da Partikel bzw. Kapside als Träger von ausgewählten Verbindungen, z. B. rAAV-Transduktionsvektoren, besonders geeignet sind. Die Bildung von Partikeln läßt sich beispielsweise durch Elektronenmikroskopie nachweisen. Ein anderer Nachweis ist das Sedimentationsverhalten während einer Cäsiumchlorid-Dichtegradientenzentrifugation mit anschließendem, optionalen Nachweis von in den Partikeln enthaltener viraler DNA.

Im allgemeinen kann die Mutation im VP1-, VP2- und/oder VP3-Strukturprotein liegen, wobei das VP1- und/oder das VP3-Strukturprotein bevorzugt sind. Des weiteren kann das Strukturprotein von allen AAV-Serotypen abgeleitet sein, insbesondere von humanen Serotypen, vorzugsweise von AAV1, AAV2, AAV3, AAV4 AAV5 und/oder AAV6, vor allem von AAV2, AAV3 und/oder AAV6.

Vorzugsweise ist/sind die Mutationen an der Virusoberfläche lokalisiert. Zur Bestimmung der oberflächen-lokaliserten Bereiche der Strukturproteine wurde gemäß der vorliegenden Erfindung überraschenderweise gefunden, daß CPV(Canine-Parvovirus) - und AAV2-Sequenzen und -Strukturen vergleichbar sind. Man kann daher vorzugsweise auf bekannte Kristallstrukturen von Parvoviren wie von Parvovirus B 19 oder von CPV zurückgreifen und mit Hilfe von Homologievergleichen Proteindomänen identifizieren, die auf der Virusoberfläche lokalisiert sind. Gemäß der vorliegenden Erfindung hat daher beispielsweise ein computerunterstützter Vergleich zwischen CPV und AAV2 bzw. Parvovirus B19 und AAV2 überraschenderweise reproduzierbar zur Identifikation von Schleifen (Loops) in VP3 geführt, deren Sequenz variiert, d. h. die eine geringe Homologie besitzen und die voraussichtlich auf der Virusoberfläche lokalisiert sind. Da die Antigene für die humorale Immunantwort für Antikörper zugänglich und somit auf der Virusoberfläche sein müssen, stellen diese Schleifen bevorzugte Kandidaten für Mutationen dar. So wurde die bekannte Kristallstruktur des CPV VP2-Kapsid-Proteins (z. B. Luo M.(1988), J. Mol. Biol., 200, 209-21 1; Wu und Rossmann (1993), J. Mol.Biol., 233, 231-244; Tsao J. et al. (1991) Science, 251, 1456-1464) aufgrund der hohen Ähnlichkeit zum AAV2 VP3 in der sekundären Struktur des Proteins als Muster genommen, um die Regionen herauszufinden, die auf der viralen Kapsidoberfläche exponiert sind und die aufgrund der lokalen Aminosäuresequenz flexibel genug sind, beispielsweise die Insertion einer Peptidsequenz zu überstehen. Dabei wurde sorgfältig darauf geachtet, daß keine sekundären Strukturelemente des AAV2-Kapsidproteins ausgewählt wurden, die das Kapsid destabilisieren würden.

In einer bevorzugten Ausführungsform sind die Mutation(en) am N-Terminus des Strukturproteins lokalisiert, da gefunden wurde, daß beispielsweise bei Parvovirus B 19 der N-Terminus an der Zelloberfläche liegt.

Eine weitere Möglichkeit zur Bestimmung der Oberflächen-lokalisierten Bereiche der Strukturproteine ist ein Vergleich der für die Kapside kodierenden Nukleinsäuresequenzen von unterschiedlichen AAV-Serotypen. Hierzu können beispielsweise bekannte DNA-Sequenzen unterschiedlicher AAV-Serotypen, wie AAV2, AAV3, AAV4 oder AAV6, für Strukturanalysen möglicher Kapsidmorphologien von beispielsweise AAV2 herangezogen werden, wobei ab initio mögliche Tertiärstrukturen berechnet und Sequenzbereiche aufgrund allgemein bekannter Aminosäure-Eigenschaften den inneren oder äußeren Kapsidbereichen zugeordnet werden können. So konnten beispielsweise gemäß der vorliegenden Erfindung mögliche Insertionsstellen im VP3-Bereich des AAV2-Kapsids ermittelt werden, die die Insertion beispielsweise von Peptiden und deren Expression auf der Virusoberfläche ermöglichen (siehe unten).

In einem weiteren Gegenstand der Erfindung kann die Mutation eine Punktmutation, eine Mutation mehrerer Aminosäuren, eine oder mehrere Deletion(en), eine oder mehrere Insertion(en) oder eine Kombination dieser Mutationen sein. Dabei kann die Punktmutation oder die Mutation mehrerer Aminosäuren innerhalb von T- oder B-Zellepitopen liegen und Kombination gleichzeitig aus Punktmutationen, Mutationen mehrerer Aminosäuren, Insertionen und/oder Deletionen bestehen.

In einer bevorzugten Ausführung wird Protein oder Peptid, vorzugsweise immunsuppressives Protein oder Peptid, inseriert. Dabei kann das Peptid aus beispielsweise 5 bis 30 Aminosäuren, vorzugsweise 8 bis 20 Aminosäuren und insbesondere 10 bis 18 Aminosäuren bestehen. Das Peptid hat beispielsweise die Sequenz QAGTFALRGDNPQG oder eine Sequenz, die zu dieser stark homolog ist.

Besonders bevorzugt ist ein erfindungsgemäßes Strukturprotein, das mindestens eine weitere Mutation enthält. Darunter ist zu verstehen, daß das Strukturprotein neben einer Mutation, die eine Verringerung der Antigenität des Virus bewirkt, auch eine weitere Mutation enthält, die nicht zwangsläufig auch eine Verringerung der Antigenität des Virus bewirkt. Besonders bevorzugt ist hier eine weitere Mutation, die eine Änderung, vorzugsweise Erhöhung, der Infektiosität des Virus bewirkt.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform stellt/stellen die weiteren Mutation/en eine oder mehrere Deletionen und/oder eine oder mehrere Insertionen im Strukturprotein oder Kombinationen dieser Mutationen dar. Dabei ist die Insertion vorzugsweise die Insertion eines Zellmembranrezeptor-Liganden, eines Rep-Proteins oder -Peptids, beispielsweise in Form einer Rep-Domäne, eines immunsuppressiven Proteins oder Peptids und/oder eines Proteins oder Peptids mit einem Signal zur Doppelstrangsynthese eines Transgens bzw. Fremdgens.

Beispiele von Insertionen bei der weiteren Mutation sind u. a. Integrine, Cytokine oder Rezeptor-Bindungsdomänen von Cytokinen, Integrinen oder Wachstumsfaktoren, wie z. B. GM-CSF, IL-2, IL-12, CD40L, TNF, NGF, PDGF oder EGF, an Zelloberflächenrezeptoren bindende einzelkettige Antikörper, sog. "single chain" Antikörper (scFv), beispielsweise an die Oberflächenrezeptoren CD40, CD40L, B7, CD28 oder CD34 bindende einzelkettige Antikörper, oder Epitope bzw. Rezeptorbindungsstellen, die beispielsweise ihrerseits von bestimmten Antikörpern, beispielsweise Anti-CD40L-monoklonale Antikörper, bzw. von chemischen Substanzen oder Hormonen, z. B. Katecholamine, erkannt werden.

In einer bevorzugten Ausführungsform der weiteren Mutation werden antikörperbindende Strukturen, wie z. B. Protein A, Protein G oder anti-Fc-Antikörper, bzw. Teile hiervon, inseriert. An diese werden wiederum spezifische Antikörper gegen bestimmte Zelloberflächenstrukturen (beispielsweise gegen das CD40 bei lymphatischen Zellen oder gegen das CD34 bei hämatopoietische Zellen) angekoppelt.

In einer bevorzugten Ausführungsform wird (werden) die Mutation(en) durch eine oder mehrere Insertionen an der XhoI-Schnittstelle der VP1-kodierenden Nukleinsäure und in einer anderen bevorzugten Ausführungsform an der BsrBI-Schnittstelle der VP1-kodierenden Nukleinsäure bewirkt. Eine weitere bevorzugte Ausfilterungsform des erfindungsgemäßen Strukturproteins entsteht durch eine Deletion zwischen den BsrBI-HindII-Schnittstellen der VP1-kodierenden Nukleinsäure und eine oder mehrere Insertionen, vorzugsweise an der Stelle der Deletion.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform der vorliegenden Erfindung wird (werden) die Mutation(en) durch eine oder mehrere Deletionen zwischen den XhoI-XhoI-Schnittstellen der VP1-kodierenden Nukleinsäure, die 62 Aminosäuren umfaßt (Hermonat, P. L. et al. (1984), J. Virol., 51, 329-339) bewirkt. In einer weiteren bevorzugten und entsprechenden Ausführungsform liegt die Deletion(en) zwischen den BsrBI-HindII-Schnittstellen der VP1-kodierenden Nukleinsäure, die innerhalb der oben beschriebenen Deletion liegt und 29 Aminosäuren umfaßt. Diese Deletion hat den Vorteil, daß sie keine Überlappung mit dem rep-Gen hat und daher den Verpackungsmechanismus im wesentlichen nicht beeinflußt.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform liegen ein oder mehrere Insertionen im VP3-Strukturprotein (Rutledge, E. A. et al. (1998) supra) vor und/oder nach mindestens einer Aminosäure in der Sequenz ausgewählt aus YKQIS SQSGA, YLTIN NGSQA, YYLSR TNIPS, EEKFF PQSGV, NPVAT, EQYGS, LQRGN RQAAT, NVDFD VDTNG, da diese Stellen an den exponierten Stellen eines Loops liegen, wobei das Risiko gering ist, die VP3-Struktur zu ändern.

Die Punktmutation(en), die Mutation(en) mehrerer Aminosäuren, die Deletion(en) oder Insertion(en) wird/werden nach allgemein bekannten Methoden durch Deletion und Insertion in dem für das Strukturprotein codierenden Gen durchgeführt. Die Deletionen lassen sich beispielsweise mittels PCR-unterstützter Mutagenese in die einzelnen Strukturprotein-Gene einführen. Die Insertionen lassen sich nach allgemein bekannten Methoden beispielsweise mittels Hydrolyse durch Restriktionsendonukleasen der entsprechenden Strukturprotein-Gene und anschließender Ligasereaktion einfügen. Die anschließende Expression des mutierten Gens führt zum erfindungsgemäßen Strukturprotein.

Ein anderer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist auch ein erfindungsgemäßes Strukturprotein in Form eines AAV-Partikels, insbesondere in Form eines AAV-Kapsids, da Partikel bzw. Kapside als Träger von ausgewählten Verbindungen, z. B. rAAV-Transduktionsvektoren, besonders geeignet sind.

Weitere Gegenstände der vorliegenden Erfindung sind eine Nukleinsäure, vorzugsweise eine RNA oder DNA, insbesondere eine doppelsträngige DNA, kodierend für ein erfindungsgemäßes Strukturprotein.

Die vorliegende Erfindung bezieht sich auch auf eine Zelle, vorzugsweise eine Säugetierzelle, beispielsweise eine

COS-Zelle, HeLa-Zelle oder 293-Zelle, enthaltend eine erfindungsgemäße Nukleinsäure. Derartige Zellen eignen sich beispielsweise zur Herstellung der rekombinanten AAV-Partikel.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist daher auch ein Verfahren zur Herstellung eines erfindungsgemäßen Strukturproteins, insbesondere zur Herstellung eines erfindungsgemäßen Strukturproteins in Form eines AAV-Partikels, wobei eine geeignete Zelle, enthaltend eine Nukleinsäure, kodierend für das erfindungsgemäße Strukturprotein kultiviert und ggf. das exprimierte Strukturprotein isoliert wird. Beispielsweise läßt sich das erfindungsgemäße Strukturprotein über einen Cäsiumchlorid-Gradienten, wie beispielsweise in Chiorini, J. A. et al. (1995), supra, beschrieben, isolieren.

Ein anderer Gegenstand der vorliegenden Erfindung bezieht sich auch auf ein Arzneimittel, enthaltend ein erfindungsgemäßes Strukturprotein oder eine erfindungsgemäße Nukleinsäure oder eine erfindungsgemäße Zelle und ggf. geeignete Hilfs- und Zusatzstoffe, wie z. B. eine physiologische Kochsalzlösung, Stabilisatoren, Proteinase-, DNase-Inhibitoren, etc.

Des weiteren ist Gegenstand der vorliegenden Erfindung ein Arzneimittel, das mindestens zwei verschiedene erfindungsgemäße Strukturproteine enthält, die jeweils unterschiedliche Mutationen aufweisen. Besonders bevorzugt ist dabei, daß sie unterschiedliche Antigenität besitzen.

Ein weiterer bevorzugter Gegenstand ist ein Kit, enthaltend mindestens zwei verschiedene erfindungsgemäße Strukturproteine, bei dem jedes Strukturprotein getrennt von dem/den anderen Strukturprotein(en) in dem Kit vorliegt.

Für eine Anwendung des Kits bzw. des Arzneimittels mit mindestens zwei verschiedenen erfindungsgemäßen Strukturproteinen, beispielsweise im Rahmen einer Therapie, wird dabei zunächst ein Strukturprotein angewandt. Für eine oder mehrere spätere Anwendung(en) wird/werden Strukturproteine mit anderer Antigenität verwendet. Eine Therapie mit Hilfe des Arzneimittels bzw. Kits umfaßt also die sukzessive Gabe erfindungsgemäßer Strukturproteine. Das Arzneimittel bzw. der Kit haben damit den Vorteil, daß (1) die bei wiederholter Anwendung des gleichen Strukturproteins ausgelöste Potenzierung einer Immunantwort vermieden werden kann und daß (2) im Fall der Auslösung einer Immunreaktion während der ersten Anwendung, durch Verwendung eines Strukturproteins mit unterschiedlicher Antigenität, die vorhandene Abwehrreaktion gegen diese zweite Anwendung weniger wirksam als gegen eine Anwendung mit dem ersten Strukturprotein ausfällt. Die somit verminderte Immunisierung des Patienten erhöht die Wirksamkeit. Für fortlaufende Anwendungen kann so mehrfach zwischen verschiedenen Strukturproteinen gewechselt werden, um eine Immunisierung eines Patienten so niedrig als möglich zu halten. Bevorzugt ist ein Satz von mehreren Strukturproteinen in Form von infektiösen Partikeln mit unterschiedlicher Antigenität, die als Vektor für den mehrfachen Transfer von beispielsweise identischen therapeutischen Genen verwendet werden. Ein weiteres Arzneimittel umfaßt einen Satz von Strukturproteinen in Form von infektiösen Partikeln, die als Vektor für unterschiedliche Therapien verwendet werden.

Ein weiterer Gegenstand der vorliegenden Erfindung bezieht sich auf die Verwendung des erfindungsgemäßen Strukturproteins für die Änderung der Antigenität von AAV, für die Transformation einer Zelle und/oder – in Form von geeigneten rAAV-Vektoren – für die Gentherapie. Unter Gentherapie versteht man eine Therapieform, bei der durch die Einführung von Nukleinsäuren in Zellen ein Effektorgen und somit meist ein Protein exprimiert wird. Man unterscheidet prinzipiell In-vitro- und In-vivo-Verfahren. In In-vitro-Verfahren werden Zellen aus dem Organismus entfernt und ex-vivo mit Vektoren transfiziert, um anschließend wieder in denselben oder in einen anderen Organismus eingebracht zu werden. Bei der In-vivo-Gentherapie werden Vektoren, beispielsweise zur Bekämpfung von Tumoren, systemisch (z. B. über die Blutbahn) oder lokal (z. B. in den Tumor) appliziert.

Ein wesentlicher Vorteil der vorliegenden Erfindung ist, daß durch die erfindungsgemäße Mutagenese von Strukturproteinen von AAV die Antigenität im wesentlichen ohne Verlust der Verpackungseffizienz rekombinanter AAV-Vektoren – und damit der Grundvoraussetzung der Infektiosität – innerhalb des Kapsids des Virus geändert werden kann. Die vorliegende Erfindung eignet sich daher im besonderen Maße für die in vivo Transformation von Zellen, beispielsweise für die somatische Gentherapie, wenn eine verminderte Immunisierung von Patienten erwünscht ist.

Die folgenden Beispiele sollen die Erfindung näher erläutern, ohne sie zu beschränken.

Beispiel 1

P1-Mutation im VP3

Zunächst wurde von einem Plasmid pUC-AV2, das durch Subklonierung des 4,8-kb BglII-Fragments des pAV2 (ATCC 37261, ref. 53) in die BamHI Schnittstelle des pUC19 (New England BioLabs Inc.) hergestellt wurde, ausgegangen. Mittels dem Fachmann bekannter PCR-unterstützter Mutagenese wurden an definierten Stellen des Plasmids Mutationen vorgenommen. Dabei wurde eine für P1, ein 14-AS-Peptid, mit der AS-Sequenz QAGTFALRGDNPQG, das das RGD-Bindungsmotiv eines Lamininfragments (Aumailley et al. (1990) FEBS Lett. 262, 82–86) enthält, codierende Sequenz nach den Nukleotiden 2985, 3345 und 3963 eingefügt. Dies entspricht einer Insertion nach den Aminosäuren 261, 381 und 587 des AAV2-Kapsidproteins (Nomenklatur nach Zahl der Aminosäuren (AS) gezählt nach den AS ab Beginn des N-Terminus im VP-1 von AAV2). In der anschließenden PCR werden jeweils 2 mutationsspezifische Primer und als Matrize ein Plasmid, pCap verwendet, das nur das cap-Gen enthält und dadurch gebildet wird, daß das 2,2 kb EcoRI-BspMI-Fragment aus pUC-AV2 herausgeschnitten und in die EcoRII-Schnittstelle des pUC19 eingefügt wird. Anschließend werden die PCR Produkte in Bakterien amplifiziert, sequenziert und das 1,4-kb EcoNI-XcmI-Fragment, das P1 enthält in pUC-AV2, in dem die korrespondierende Wildtypcap-Sequenz herausgeschnitten wurde, subkloniert. Dementsprechend enthielten die nach den AS-Insertionsstellen pI-261, pI-381 und pI-587 genannten Plasmide (Mutanten) das komplette AAV2-Genom.

Beispiel 2

Herstellung von AAV2-Partikel

- 5 HeLa-Zellen (eine humane Cervix-Epithel-Zelllinie) wurden mit den Plasmiden gemäß Beispiel 1 transfiziert, dann ca. 20 h inkubiert und anschließend mit Adenovirus Typ 5 infiziert. 72 h nach der Infektion wurden die Zellen aufgeschlos- sen und die AAV2-Partikel über einen CsCl-Gradienten gereinigt.

Beispiel 3

10

Charakterisierung der Kapsidmutanten gemäß Beispiel 1

- In diesen Versuchen sollte festgestellt werden, ob die Kapsidmutanten das virale Genom verpacken und vollständige Kapside bilden können. AAV2-Partikel der Mutanten gemäß Beispiel 2 wurden darauf überprüft, ob und wenn ja wie- viele Partikel das Virus-Genom tragen und wieviel DNA in den Kapsid-Mutanten verpackt war. Dazu wurden die gemäß Beispiel 2 gereinigten Viren (Mutanten und Wildtyp) mit DNase behandelt, geblottet und mit einer Rep-Sonde hybridi- siert.

- Der sich daraus ergebende Titer zeigte keine quantitative oder qualitative Differenz im Vergleich zum Wildtyp (s. Ta- belle 1). Die Viren behielten die Fähigkeit, daß Genom zu verpacken.

- 20 Durch Elektronenmikroskopanalyse konnte weiter bestätigt werden, daß auch das Kapsid ausgebildet wird.

Daher wurden die Mutationen nicht in Bereichen vorgenommen, die für die korrekte Faltung, die Kapsid-Zusammen- setzung oder die Verpackung des Genoms von Bedeutung sind. Die erfindungsgemäßen AAV-Partikel sind in ihrer Funk- tion ungestört.

25

Beispiel 4

Antigenität der Kapsidmutanten gemäß Beispiel 1

- Um die Antigenität der mutierten Kapside ablesen zu können, wurden in einem weiteren Experiment A20 monoklo- nale Antikörper (A20MAb) in einem ELISA eingesetzt. A20MAb reagieren spezifisch mit komplett zusammengesetz- tem AAV2-Kapsid des Wildtyps (Wistuba et al., (1997), J. Virol. 71, 1341-1352). Auch hier sind die Ergebnisse in Ta- belle 1 dargestellt. Dabei zeigt sich, daß durch die Insertion in den Mutanten pI-261 und pI-381 im Gegensatz zum Wild- typ und pI-587 der A20 monoklonale Antikörper nicht mehr binden kann.

35

Tabelle 1

Verpackungseffizienz und Antigenität der hergestellten Virusmutanten gemäß Beispiel 1

40	Virusstock	physikalische Virustiter	ELISA mit A20-MAb
	Wildtyp-Kapsid	$8 \cdot 10^{13}$	$6 \cdot 10^{12}$
45	Mutanten		
	I-261	$1 \cdot 10^{12}$	n.m.
50	I-381	$1 \cdot 10^{12}$	n.m.
	I-587	$4 \cdot 10^{13}$	$3 \cdot 10^{12}$

- 55 Gezeigt sind die physikalischen Virustiter (Dot-Blot) und der Titer mit A20-Kapsid-ELISA. Die Konzentrationen sind in Partikel/ml angegeben. "n. m." heißt "nicht meßbar".

Beispiel 5

60

Infektionstests mit Kapsidmutanten gemäß Beispiel 1

- Um den Tropismus der Kapsidmutanten I-261, I 381 und I-587 zu testen, wurden die Zellen der Zelllinie Co-115 mit den mutierten Viren infiziert. Co-115-Zellen wurden zum Testen des Wildtyprezeptor-Tropismus der Virionen verwen- det, da diese gegenüber Wildtyp AAV2 anfällig sind. Drei Tage nach der Infektion wurden die Zellen durch Immunofluo- reszenzmessung mit Hilfe eines anti-Rep-Antikörpers darauf untersucht, ob das virale Rep-Protein exprimiert wird (Wi- stuba et al. (1997) J. Virol. 71, 1341-1352; Wistuba et al. (1995) J. Virol. 69, 5311-5319). Zellen wurden auf Objektträ- gern zu 70% Konfluenz gezüchtet und mit verschiedenen Konzentrationen erfindungsgemäßer viraler Präparationen in serumfreiem Medium zusammen mit Adenovirus S inkubiert. Die Titer der viralen Präparationen wurden drei Tage spä-

ter entweder durch in-situ-Detektion der Rep-Proteinsynthese in einem Immunfluoreszenzassay (Rep-Titer) bestimmt. Dabei wurde die Immunfluoreszenzanfärbung mit AAV2-infizierten Zellen nach einer Methode von Wistuba et al. (Wistuba et al. (1997) J. Virol. 71, 1341–1352; Wistuba et al. (1995) J. Virol. 69, 5311–5319) durchgeführt. Die Objektträger wurden einmal mit PBS gewaschen, in Methanol (5 min. 4°C) fixiert und anschließend mit Aceton (5 min. 4°C) behandelt. Die Zellen wurden dann für eine Stunde bei Raumtemperatur mit dem monoklonalen Antikörper 76-3, der mit Rep-Proteinen von AAV2 reagiert, inkubiert. Anschließend wurde gewaschen und für eine Stunde mit einem Rhodamin-konjugierten Anti-Maus-sekundären Antikörper bei einer Verdünnung von 1 : 50 in PBS mit 1% BSA inkubiert. Die Titer wurden aus der letzten limitierenden Verdünnung der viralen Stammlösung errechnet, die zu fluoreszenzpositiven Zellen geführt hatten.

Nach Infektion mit Wildtyp AAV2 und den Mutanten I-261 und I-587 konnten Rep-positive CO115-Zellen detektiert werden, wobei die Infektiosität der Mutanten um zwei bis drei Größenordnungen kleiner war als die des Wildtyps, bzw. eine Mutante nicht infektiös war (I-381) (Tabelle 2). Es konnte aber gezeigt werden, daß bei der Mutante I-261 trotz veringert Antigenität (s. Beispiel 4) die Infektiosität erhalten blieb.

Tabelle 2

Virustiter auf der Zelloberfläche

Virusstock	Titer auf CO115-Zellen
Wildtyp-Kapsid	$2 \cdot 10^9$
Mutanten	
I-261	$7 \cdot 10^6$
I-381	n.m.
I-587	$1 \cdot 10^7$

Gezeigt sind die Titer auf den wildtypanfälligen CO115-Zellen. Die Titer sind für I-261, I-381 und I-587 wie den Wildtyp in Rep-EFU/ml ausgedrückt. Dabei bedeutet EFU expressionsbildende Einheiten (Expressing Forming Unit). Dabei heißt "n. m." "nicht meßbar".

DE 199 33 288 A 1

SEQUENZPROTOKOLL

<110> MediGene Aktiengesellschaft

5

<120> Strukturprotein von Adeno-assoziiertem Virus mit veränderter
Antigenität, seine Herstellung und Verwendung

10

<140> 199 33 288.6

15

<141> 15.07.1999

<160> 9

20

<170> Word 6.0, PC-DOS/MS-DOS

25

<210> 1

<211> 14

30

<212> PRT

<213> Mus musculus

35

<400> 1

Gln Ala Gly Thr Phe Ala Leu Arg Gly Asp Asn Pro Gln Gly

40

14

<210> 2

<211> 10

45

<212> PRT

<213> Adeno-assoziiertes Virus

50

<400> 2

Tyr Lys Gln Ile Ser Ser Gln Ser Gly Ala

55

10

<210> 3

60

65

DE 199 33 288 A 1

<400> 3

Tyr Leu Thr Leu Asn Asn Gly Ser Gln Ala

10

5

<210> 4

<211> 10

10

<212> PRT

<213> Adeno-assoziiertes Virus

15

<400> 4

Tyr Tyr Leu Ser Arg Thr Asn Thr Pro Ser

10

20

<210> 5

<211> 10

25

<212> PRT

<213> Adeno-assoziiertes Virus

30

<400> 5

Glu Glu Lys Phe Phe Pro Gln Ser Gly Val

10

35

<210> 6

<211> 5

40

<212> PRT

<213> Adeno-assoziiertes Virus

45

<400> 6

Asn Pro Val Ala Thr

5

50

55

<210> 7

<211> 5

60

<212> PRT

<213> Adeno-assoziiertes Virus

65

<400> 7

5 Glu Gln Tyr Gly Ser

5

<210> 8

10 <211> 10

<212> PRT

15 <213> Adeno-assoziiertes Virus

<400> 8

20

Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

10

25 <210> 9

<211> 10

<212> PRT

30

<213> Adeno-assoziiertes Virus

35 <400> 9

Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly

10

40

45

50

55

60

65

<400> 7

Glu Gln Tyr Gly Ser

5

<210> 8

<211> 10

10

<212> PRT

<213> Adeno-assoziiierter Virus

15

<400> 8

20

Leu Gln Arg Gly Asn Arg Gln Ala Ala Thr

<210> 9

25

<211> 10

<212> PRT

<213> Adeno-assoziiierter Virus

30

<400> 9

35

Asn Val Asp Phe Thr Val Asp Thr Asn Gly

40

Patentansprüche

1. Strukturprotein von Adeno-assoziiertem Virus (AAV), **dadurch gekennzeichnet**, daß das Strukturprotein mindestens eine Mutation enthält, die eine Verringerung der Antigenität des Virus bewirkt.
2. Strukturprotein nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die Mutation keine wesentliche Verringerung der Infektiosität des Virus bewirkt.
3. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß das mutierte Strukturprotein zur Partikelbildung befähigt ist.
4. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, daß es ausgewählt ist aus mutiertem VP1, mutiertem VP2 und/oder mutiertem VP3.
5. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß es abgeleitet ist von AAV2, AAV3, AAV4, AAV5 und/oder AAV6 sowie anderen von diesen, insbesondere von AAV2, abgeleiteten AAV-Serotypen.
6. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, daß die Mutation(en) an der Virusoberfläche lokalisiert ist/sind.
7. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, daß die Mutation(en) am N-Terminus des Strukturproteins lokalisiert ist/sind.
8. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Mutation eine Punktmutation, eine Mutation mehrerer Aminosäuren, eine oder mehrere Deletion(en), eine oder mehrere Insertion(en) oder eine Kombination dieser Mutationen ist.
9. Strukturprotein nach Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, daß Protein oder Peptid, vorzugsweise immunsuppressives Protein oder Peptid inseriert wird.
10. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß das Strukturprotein mindestens eine weitere Mutation enthält.
11. Strukturprotein nach Anspruch 10, dadurch gekennzeichnet, daß die weitere(n) Mutation(en) eine Änderung der Infektiosität des Virus bewirkt.
12. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 10 oder 11, dadurch gekennzeichnet, daß die weitere(n) Mutation(en) eine oder mehrere Deletion(en), eine oder mehrere Insertion(en) oder eine Kombination dieser Mutationen

45

50

55

60

65

ist.

13. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 10 bis 12, dadurch gekennzeichnet, daß die Insertion ein Zellmembranrezeptor-Ligand, ein Rep-Protein oder -Peptid, ein immunsuppressives Protein oder Peptid und/oder ein Protein oder Peptid mit einem Signal zur Doppelstrangsynthese des Fremdgens ist.

14. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 10 bis 13, dadurch gekennzeichnet, daß die Insertion ausgewählt ist aus einem Integrin, einem Cytokin oder einer Rezeptor-Bindungsdomäne von einem Cytokin, Integrin oder Wachstumsfaktor, an einem Zelloberflächenrezeptor bindenden einzelkettigen Antikörper, einem Antikörper gegen Zelloberflächenstrukturen, einer antikörperbindenden Struktur oder einem Epitop.

15. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 bis 14, dadurch gekennzeichnet, daß die Mutation(en) durch eine oder mehrere Insertionen an der XhoI-Schnittstelle der VP1-kodierenden Nukleinsäure bewirkt wird/werden.

16. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 bis 15, dadurch gekennzeichnet, daß die Mutation(en) durch eine oder mehrere Insertionen an der BsrBI-Schnittstelle der VP1-kodierenden Nukleinsäure bewirkt wird/werden.

17. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 bis 16, dadurch gekennzeichnet, daß die Mutation(en) durch eine oder mehrere Deletionen zwischen den BsrBI-HindII-Schnittstellen der VP1-kodierenden Nukleinsäure und eine oder mehrere Insertionen bewirkt wird/werden.

18. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 bis 17, dadurch gekennzeichnet, daß die Mutation(en) durch eine oder mehrere Deletionen zwischen den XhoI-XhoI-Schnittstellen der VP1-kodierenden Nukleinsäure bewirkt wird/werden.

19. Strukturprotein einem der Ansprüche 1 bis 19, dadurch gekennzeichnet, daß die Mutation(en) durch eine oder mehrere Deletionen zwischen den BsrBI-HindII-Schnittstellen der VP1-kodierenden Nukleinsäure bewirkt wird/werden.

20. Strukturprotein nach einem der Ansprüche 1 bis 14, dadurch gekennzeichnet, daß eine oder mehrere Insertionen in VP3 vor und/oder nach mindestens einer Aminosäure in der Sequenz ausgewählt aus YKQIS SQSGA, YLTLN NGSQA, YYLSR TNTPS, EEKFF PQSGV, NPVAT EQYGS, LQGRN RQAAT, NVDFIT VDTNG, lokalisiert ist/sind.

21. Strukturprotein gemäß einem der Ansprüche 1 bis 20 in Form eines AAV-Partikels, insbesondere in Form eines AAV-Kapsids.

22. Nukleinsäure, kodierend für ein Strukturprotein gemäß einem der Ansprüche 1 bis 21.

23. Zelle, enthaltend eine Nukleinsäure gemäß Anspruch 22.

24. Verfahren zur Herstellung eines Strukturproteins gemäß einem der Ansprüche 1 bis 21, dadurch gekennzeichnet, daß eine Zelle gemäß Anspruch 23 kultiviert und ggf. das exprimierte Strukturprotein isoliert wird.

25. Arzneimittel, enthaltend ein Strukturprotein gemäß einem der Ansprüche 1 bis 21, eine Nukleinsäure gemäß Anspruch 22 und/oder eine Zelle gemäß Anspruch 23 und/oder gegebenenfalls Hilfs- und/oder Zusatzstoffe.

26. Arzneimittel enthaltend mindestens zwei verschiedene Strukturproteine gemäß einem der Ansprüche 1 bis 21, dadurch gekennzeichnet, daß jedes Strukturprotein eine unterschiedliche Mutation aufweist.

27. Kit enthaltend mindestens zwei verschiedene Strukturproteine gemäß einem der Ansprüche 1 bis 21, dadurch gekennzeichnet, daß jedes Strukturprotein getrennt von dem/den anderen Strukturprotein(en) in dem Kit vorliegt.

28. Verwendung eines Strukturproteins gemäß einem der Ansprüche 1 bis 21, einer Nukleinsäure gemäß Anspruch 22 und/oder einer Zelle gemäß Anspruch 23 für die Änderung der Antigenität von AAV, für die Transformation einer Zelle und/oder für die Gentherapie.